

CONTOURNEMENT DE LA RÉSISTANCE DE SCAVINA DANS LA RÉGION DE BAHIA CAUSÉE PAR L'ÉVOLUTION DE *MONILIOPTHORA PERNICIOSA*

Karina Peres Gramacho¹, José Luis Pires¹, Didier Clément^{1,2}, Francisca Feitosa Juca^{1,3}, Gilson Roberto Pires Melo¹, Nara G R B Patrocínio^{1,3}, Louise Araújo Sousa^{1,4} et Uilson Vanderlei Lopes¹.

¹CEPEC/CEPLAC, Rod. Ilhéus-Itabuna, km 22, 45600-970, Itabuna, BA, Brésil.

²INRA, UR1213, Systèmes d'Élevage, 33177 Gradignan, France.

³INRA, UR1213, Systèmes d'Élevage, 33177 Gradignan, France.

⁴CNPq Beginner on Science Scholarship.

E-mail: Karina@cepec.gov.br.

RÉSUMÉ

Les clones résistants à la maladie des balais de sorcières du cacao (WBD), causée par le champignon basidiomycète *Moniliophthora perniciosa* (Mp) constituent la stratégie la plus pratique et la plus rentable pour la lutte contre la WBD, mais leur utilisation est actuellement restreinte à des clones très limités, à savoir les descendants de Scavina. La résistance de Scavina s'est avérée insuffisante ou instable comme par exemple, dans le Rondônia dans le bassin amazonien, en Équateur pendant les années 1980 et dans la région de Bahia en 2002. Dans ce document, nous présentons des éléments démontrant, au travers de plusieurs études indépendantes, que la résistance de Scavina a été contournée en raison de changements dans la population du pathogène. En utilisant des marqueurs moléculaires dans des études sur 40 isolats du champignon, collectés à partir de balais de cinq génotypes de cacaoyer résistants et deux génotypes sensibles, une nette différenciation génétique a été observée entre les isolats de champignons à partir des clones principalement résistants et des clones sensibles. De plus, une étude réalisée pour caractériser la variabilité génétique temporelle des populations de Mp à Bahia, au Brésil, au cours de quatre années consécutives (2001 à 2004), dans plusieurs sites, a démontré qu'il y a un changement de la composition génétique des populations de Mp. La variabilité pathogénique observée par des expériences d'inoculation croisée utilisant des isolats issus de Scavinas (Scavina 6 et descendants), de non Scavina et de SIC, un clone sensible, a montré que les isolats de Scavina entraînaient plus souvent la maladie sur les génotypes Scavina, alors que l'isolat issu de SIC était moins pathogène sur les Scavinas et plus pathogène sur son hôte respectif. Ces résultats nous ont permis de conclure que l'augmentation de la sensibilité des descendants Scavina était le résultat de l'accumulation de souches de pathogène capables de contourner la résistance de Scavina. De plus, des observations temporelles d'infections naturelles entre 2003 et 2010 sur un clone F₄ Scavina 6 x ICS1 a montré que le QTL principal identifié dans le GL9 voyait son effet réduit d'une année sur l'autre, passant d'un score LOD de 9 en 2003 à un score LOD non significatif en 2010. Les mêmes résultats ont été trouvés dans le cadre d'inoculations artificielles avec des souches particulières de Mp et en utilisant une nouvelle population F₂ créée en 2007. L'étude actuelle fournit les premiers éléments démontrant que le contournement de la résistance à WB des Scavinas est dû à l'adaptation des populations de Mp sur le terrain. Ces études démontrent non seulement le changement des populations de Mp à Bahia, mais elles constituent aussi un avertissement indiquant que l'efficacité des cultivars résistants dans la lutte contre WBD est limitée par la variabilité de Mp et elle constitue une incitation à concevoir des programmes de sélection assurant une résistance durable. Différentes sources de résistance ont été identifiées et sont actuellement utilisées dans le programme de sélection génétique de cacao pour associer des gènes de résistance distincts.